Homework 4 - Diagrama Voronoi.

Claudia Lizeth Hernández Ramírez

21 de septiembre de 2021

Resumen

Las diferencias entre las medianas no son estadísticamente significativas.

1. Introducción

Examina el efecto del número de semillas , manteniendo constante el tamaño de la zona , en la penetración de las grietas que se forman en términos de la mayor distancia Manhattan entre la grieta y el exterior de la pieza, visualizando los resultados con diagramas caja-bigote o similar sobre las réplicas y aplicando métodos estadísticos para establecer el efecto tiene, si es que tenga, en ello.

2. Desarrollo

Comenzamos utilizando el código proporcionado en clase por la Dra Elisa[3]. Se modificó el número de semillas agregando un ciclo FOR.

Listing 1: Fragmento de código para variar el número de semillas.

```
datos = data.frame()
n <- 15
for (k \text{ in } c(10, 20, 30)) {
zona \leftarrow matrix(rep(0, n * n), nrow = n, ncol = n)
x \leftarrow rep(0, k) \# ocupamos almacenar las coordenadas x de las semillas
y \leftarrow rep(0, k) \# igual como las coordenadas y de las semillas
for (semilla in 1:k) {
  while (TRUE) { # hasta que hallamos una posicion vacia para la semilla
    fila <- sample (1:n, 1)
    columna <- sample (1:n, 1)
    if (zona[fila, columna] == 0) {
      zona[fila, columna] = semilla
      x[semilla] \leftarrow columna
      y[semilla] <- fila
      break
      }
```

Posteriormente, generé una matriz que dejaba ver las áreas de grieta la cual exporté a un archivo .xlsx.

Listing 2: Fragmento de código que genera matriz de grieta.

```
if (largo >= limite) {
    png(paste("p4g_", replica, ".png", sep=""))
    par(mar = c(0,0,0,0))
    image(rotate(grieta), col=rainbow(k+1), xaxt='n', yaxt='n')
    graphics.off()
}
return(grieta)
}
suppressMessages(library(doParallel))
registerDoParallel(makeCluster(detectCores() - 2))
manhattanmatriz <- foreach(r = 1:1, .combine=c) %dopar% propaga(r)
stopImplicitCluster()
manhattanmatriz
datos = rbind(datos, manhattanmatriz)
write_xlsx(datos, "midataframe3015.xlsx") #exporta a xlsx</pre>
```

Una vez exportados, obtuve los valores máximos de distancia Manhattan entre la grieta y el exterior de mi pieza; Mismos que fueron graficados en un boxplot.

Cuadro 1: Valores de distancia mayor Manhattan entre grieta y exterior de pieza.

Iteración	Número de semillas		
"	10	20	30
1	8	8	8
2	5	4	5
3	7	7	6
4	4	5	7
5	8	7	5
6	7	8	7
7	5	7	4
8	3	7	7
9	6	4	8
10	4	4	8
11	8	7	7
12	8	5	7
13	7	8	7
14	7	6	5
15	7	8	7

A simple vista podríamos pensar que estamos tratando con datos que no tienen una distribución normal, para comprobar esta teoría utilicé la prueba de shapiro.test.

Listing 3: Fragmento de código utilizado para hacer pruebas de normalidad.

```
#pruebas de normalidad Shapiro test

lshap = lapply(datositer, shapiro.test)
lshap [[1]]
lshap = lapply(datositer, shapiro.test)
lshap [[2]]
lshap = lapply(datositer, shapiro.test)
lshap [[3]]
```

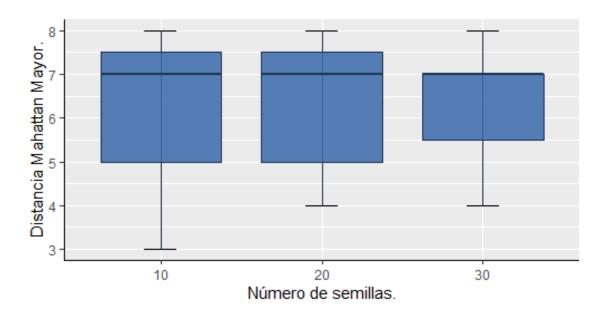


Figura 1: Distancia mayor Manhattan con variación en el número de semillas.

Cuadro 2: Resultados obtenidos de prueba de normalidad de Shapiro.

Semilla	W	P
10	0.8691	0.0327
20	0.8433	0.0.140
30	0.850	0.0204

Como es evidente, se rechaza hipótesis nula y podemos confirmar que nuestros datos no tienen una distribución normal, por lo que preocedemos a utilizar una prueba no paramétrica, como lo es Kruskal Wallis [1, 2].

Listing 4: Fragmento de código utilizado para hacer pruebas de Kruskal Wallis.

```
\begin{array}{l} {\rm diez} = c(8,\ 5,\ 7,\ 4,\ 8,\ 7,\ 5,\ 3,\ 6,\ 4,\ 8,\ 8,\ 7,\ 7,\ 7) \\ {\rm veinte} = c(8,\ 4,\ 7,\ 5,\ 7,\ 8,\ 7,\ 7,\ 4,\ 4,\ 7,\ 5,\ 8,\ 6,\ 8) \\ {\rm treinta} = c(8,\ 5,\ 6,\ 7,\ 5,\ 7,\ 4,\ 7,\ 8,\ 8,\ 7,\ 7,\ 7,\ 5,\ 7) \\ {\rm kruskal.test}(\mbox{list}(\mbox{diez}\,,\ \mbox{veinte}\,,\ \mbox{treinta})) \end{array}
```

Cuadro 3: Resultados obtenidos de prueba Kruskal-Wallis.

Chi cuadrada	DF	P
0.0716	2	0.0.9648

3. Conclusión

Teniendo que:

- -Hipótesis nula: las medias de población son todas iguales.
- -Hipótesis alternativa: las medias de población no son todas iguales. y con un nivel de significancia = 0.05 podemos aceptar la hipótesis nula, por lo tanto las diferencias entre las medianas no son estadísticamente significativas.

Referencias

- Minitab. Interpretacion kruskal wallis, 2019. URL https://support.minitab.com/es-mx/minitab/18/ help-and-how-to/statistics/nonparametrics/how-to/kruskal-wallis-test/interpret-the-results/ key-results/.
- [2] E. Flores Ruiz. Selección de pruebas de estadísticas, 2017. URL http://www.scielo.org.mx/pdf/ram/v64n3/2448-9190-ram-64-03-0364.pdf.
- [3] Elisa Schaeffer. Codigobase, 2021. URL https://github.com/satuelisa/Simulation/blob/master/VoronoiDiagrams/fracture.R.